

HIV1LAI (DP-178; SEQ ID:1)	YTSLIHSLIEESQSQQEKNEQELLELDKWASLWNMF
HIV1SF2 (DP-185; SEQ ID:3)	YTNTIYNLLEESQSQQEKNEQELLELDKWASLWNMF
HIV1RF (SEQ ID:4)	YTGIIYNLLEESQSQQEKNEQELLELDKWANLWNMF
HIV1MN (SEQ ID:5)	YTSLIYSLLEKSTQQEKNEQELLELDKWASLWNMF
HIV2ROD (SEQ ID:6)	LEANISKSLEQAQIQQEKINMYELQKLSWDIFGNMF
HIV2NIHZ (SEQ ID:7)	LEANISQSLEQAQIQQEKINMYELQKLSWDVFTNWL
DP180 (SEQ ID:2)	SSSFTLLEQWNNMKLQLAEQWLEQINEKHYLEDIS
DP118 (SEQ ID:10)	QQLLDWKRQQEMLRLTVHGTKNLQARVTAIEKYLKDQ
DP125 (SEQ ID:8)	CGGNLLRATEAQQHLLQLTVHG IKQLQARILAVERYLKDQ
DP116 (SEQ ID:9)	LQARILAVERYLKDQQQ

FIG.1

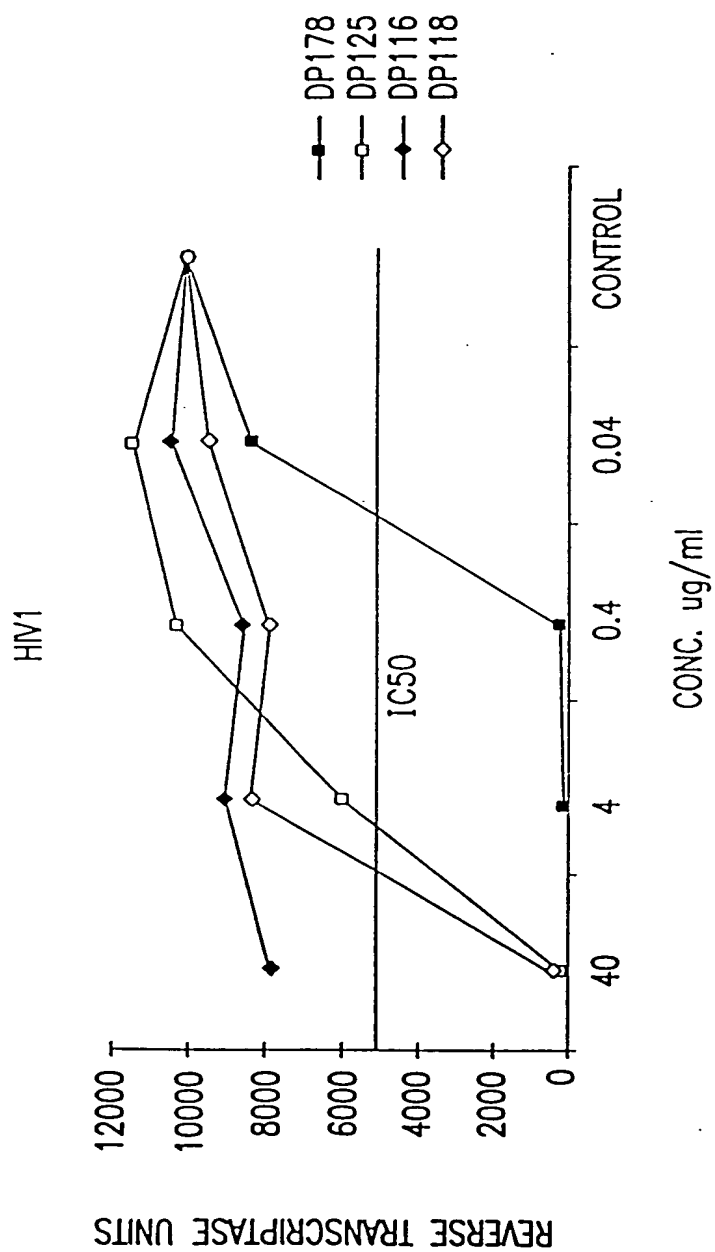


FIG.2

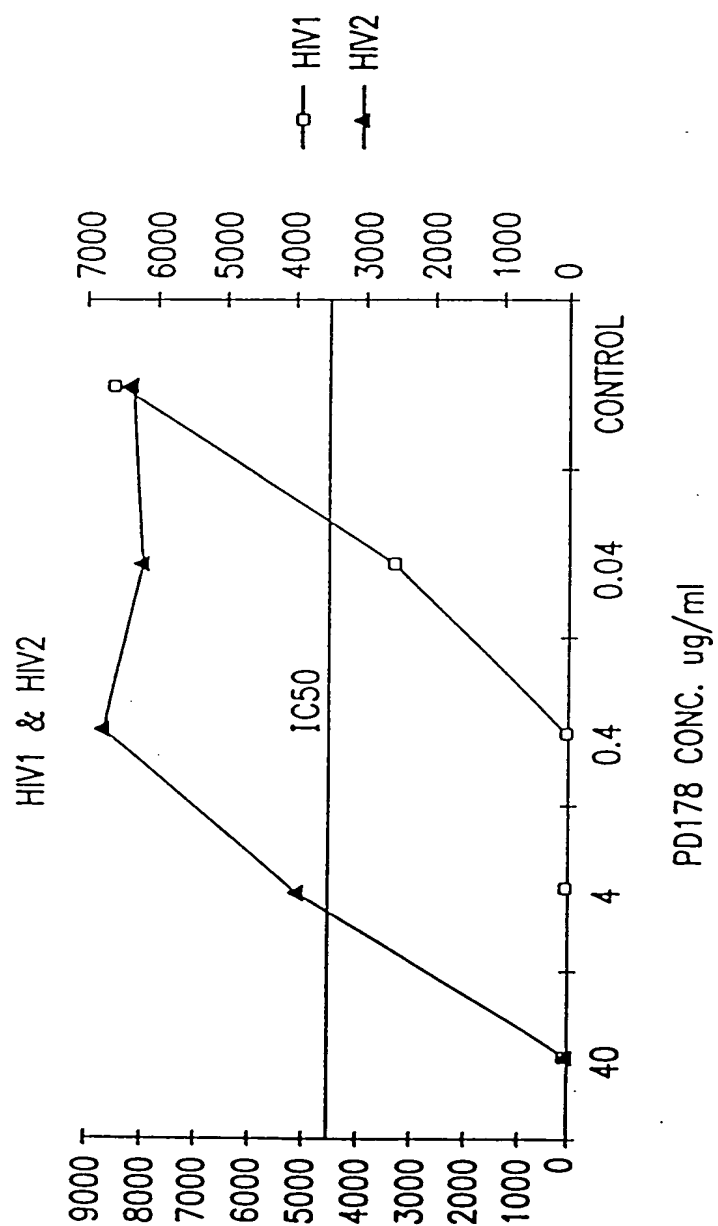


FIG.3

7872-020 (SHEET 4 OF 63)

Number of Syncytia/well: concentration in $\mu\text{g/ml}$ (micrograms/ml)									
DP178	10	5	1	0.2	0.1	0.05	0.025	0.0125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LA1	0	0	0	0	0	0	0	0	67
HIV1MN	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	34
HIV1RF	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	65
HIV1SF2	0	0	0	0	0	ND	ND	ND	58
DP125	10	5	1	0.2	0.1	0.05	0.025	0.0125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LA1	0	0	54	69	80	75	79	82	67
HIV1MN	0	0	30	36	ND	ND	ND	ND	34
HIV1RF	0	0	67	63	ND	ND	ND	ND	65
HIV1SF2	0	0	9	66	ND	ND	ND	ND	58
DP116	10	5	1	0.2	0.1	0.05	0.025	0.0125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LA1	75	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	67
HIV1MN	35	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	34
HIV1RF	81	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	65
HIV1SF2	81	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	58

FIG.4A

DP180	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LA1	50	>45	>45	>45	>45	>45	>45	>45	58
DP185	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<i>Syncytia</i>									
HIV1LA1	0	0	0	0	0	0	0	ND	60

FIG.4B

<u>HIV1</u>								
<u>Number of Syncytia/well: concentration in ng/ml (nanograms/ml)</u>								
DP178	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<u>Syncytia</u> <u>HIV1</u>	0	0	0	0	0	14	20	48
DP116	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<u>Syncytia</u> <u>HIV1</u>	ND	48	ND	ND	ND	ND	ND	ND
<u>HIV2</u>								
<u>Number of Syncytia/well: concentration in μg/ml (micrograms/ml)</u>								
DP178	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<u>Syncytia</u> <u>HIV2</u>	50	54	55	57	63	77	78	76
DP116	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	Control
<u>Syncytia</u> <u>HIV2</u>	ND	58	ND	ND	ND	ND	ND	ND

FIG.5

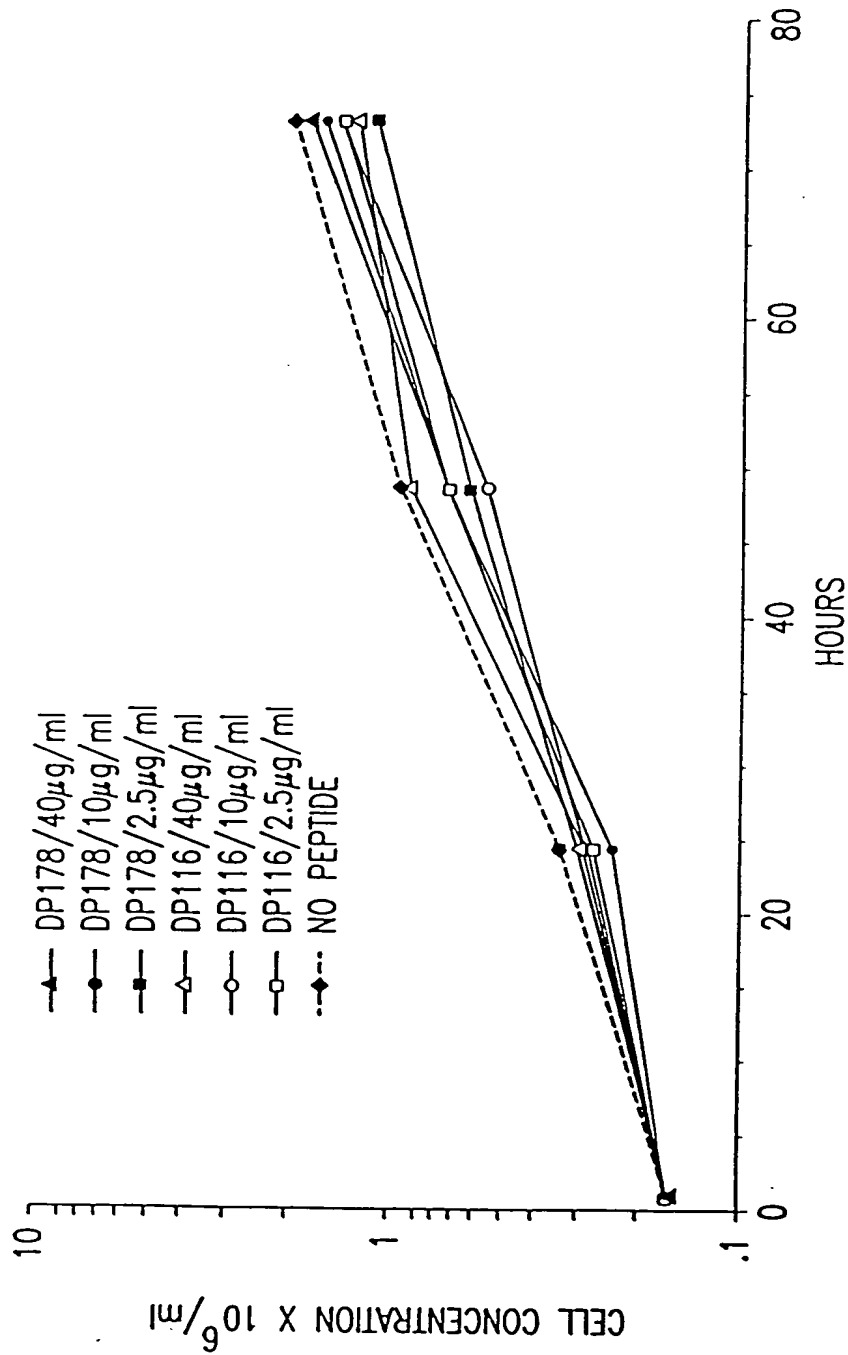


FIG.6

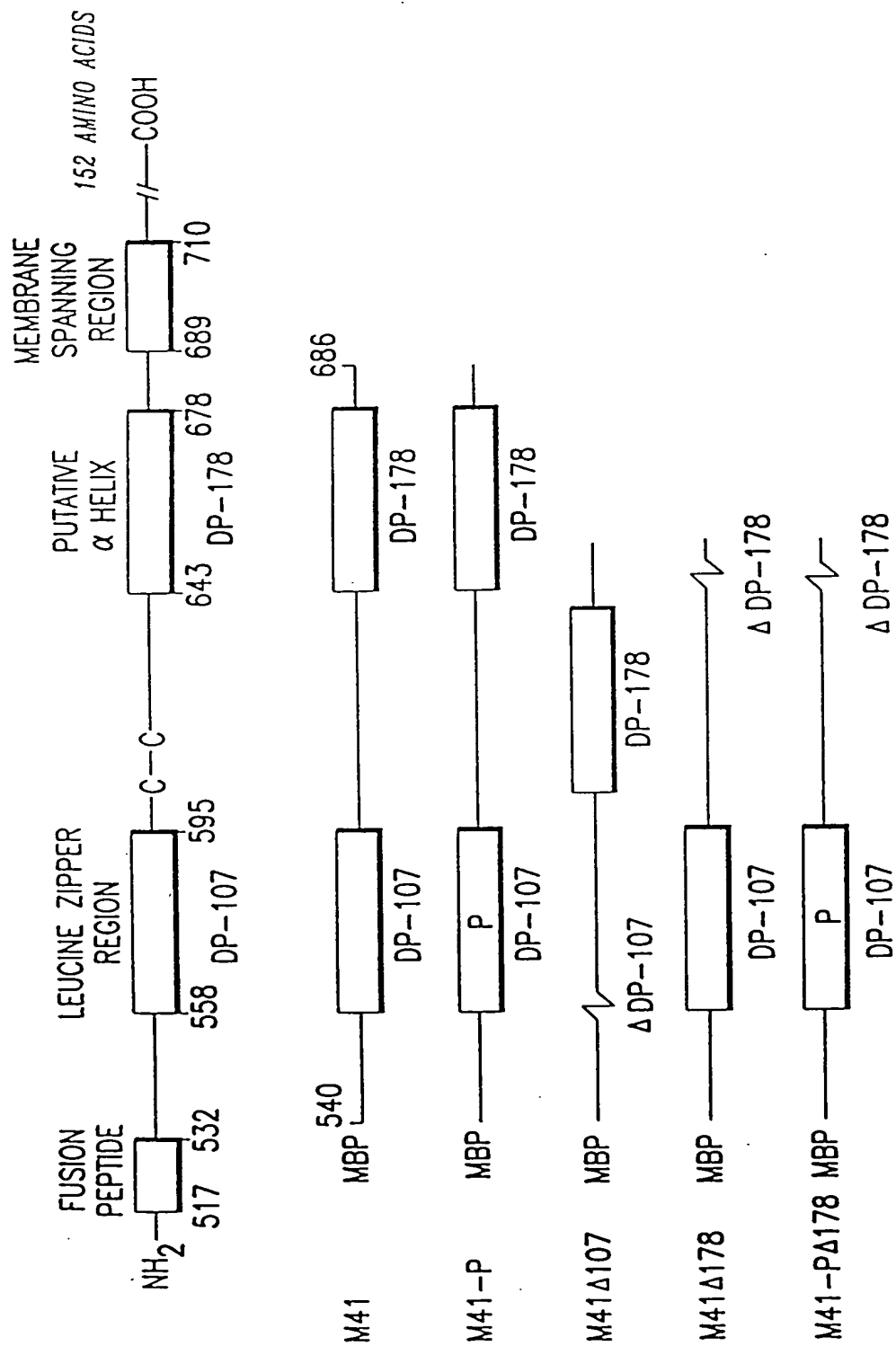


FIG.7

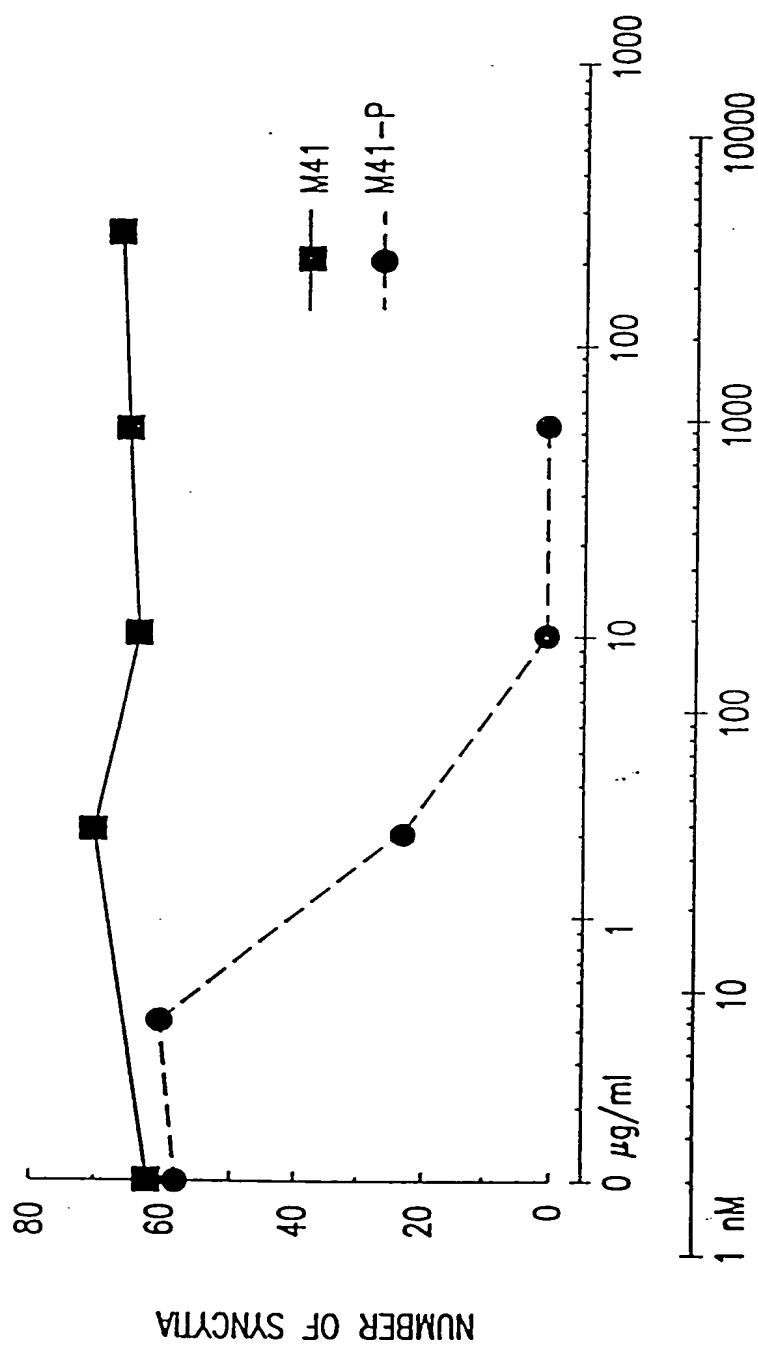


FIG.8

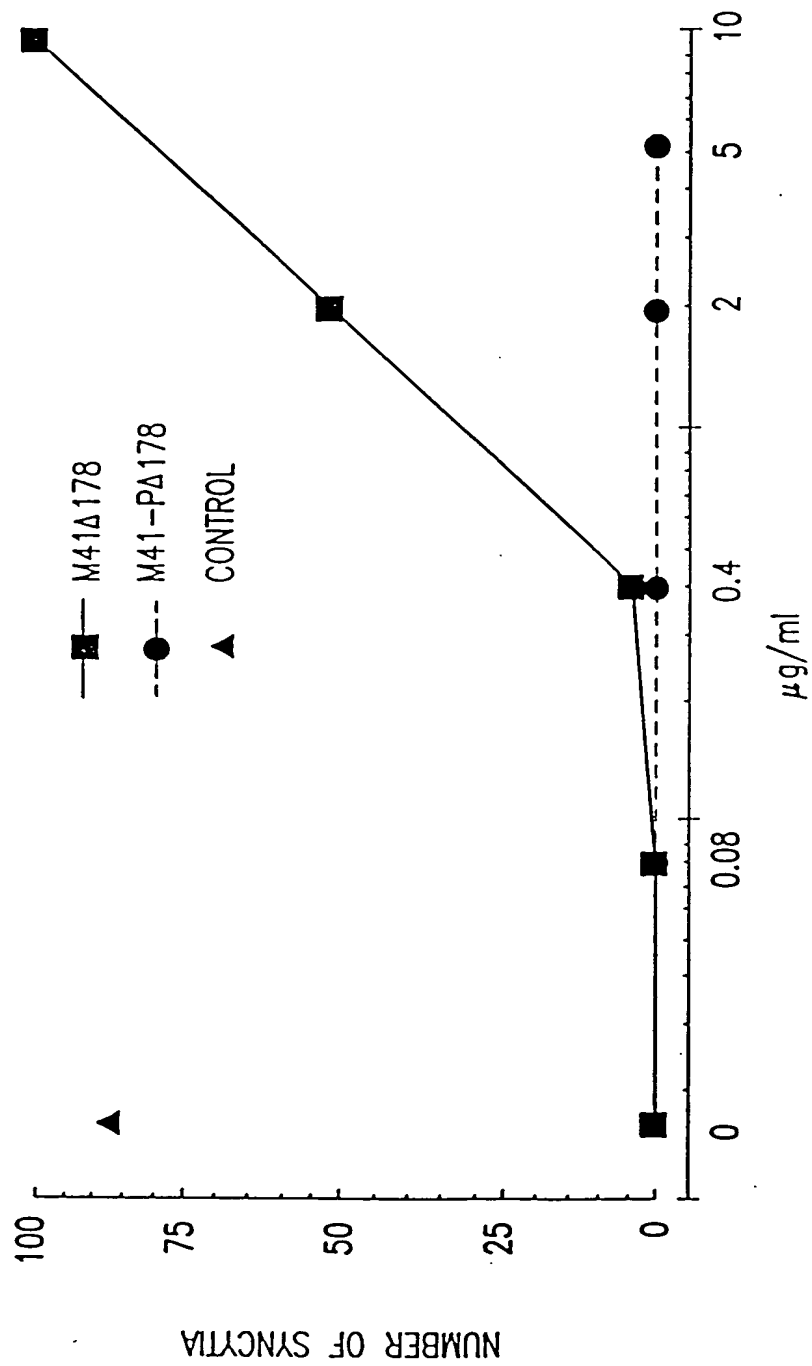


FIG.9

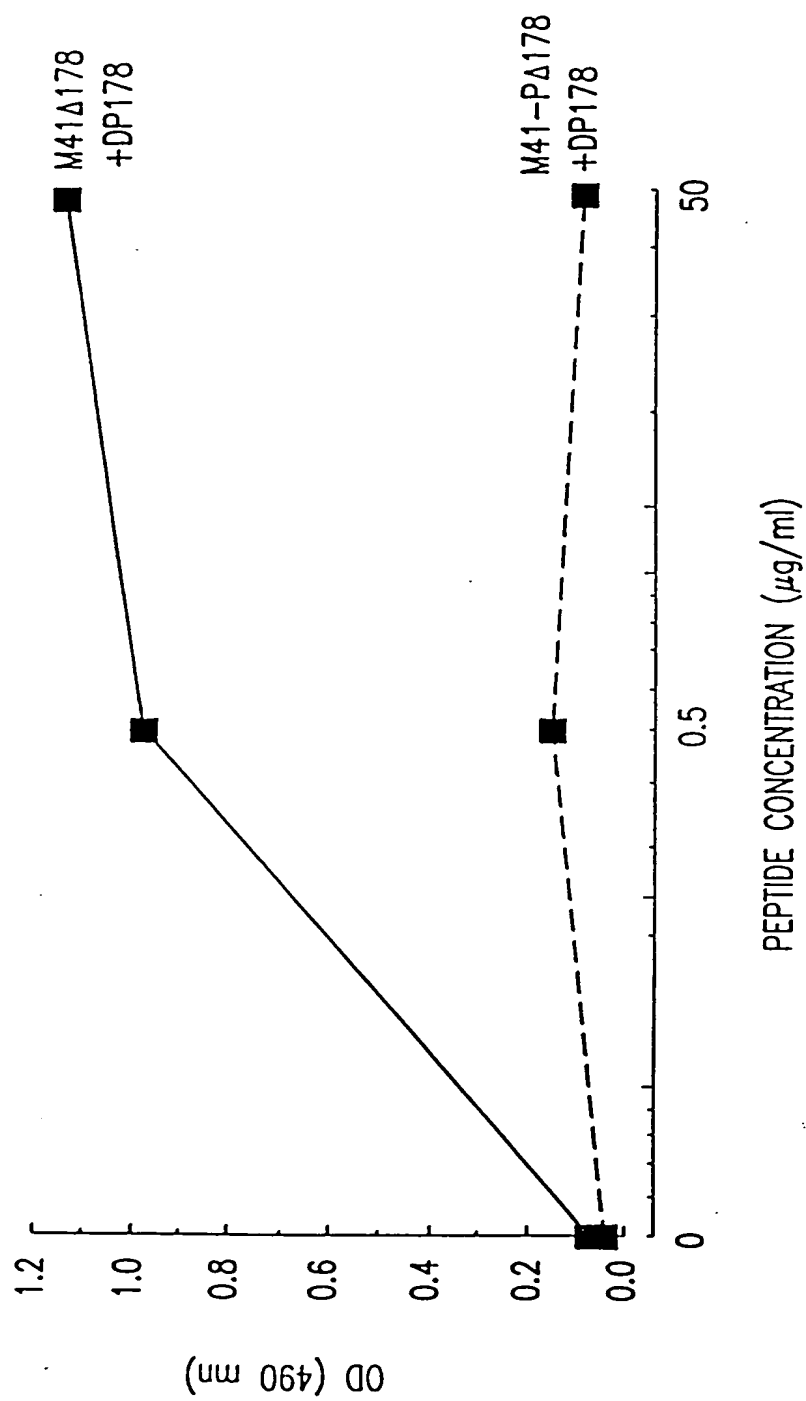


FIG.10

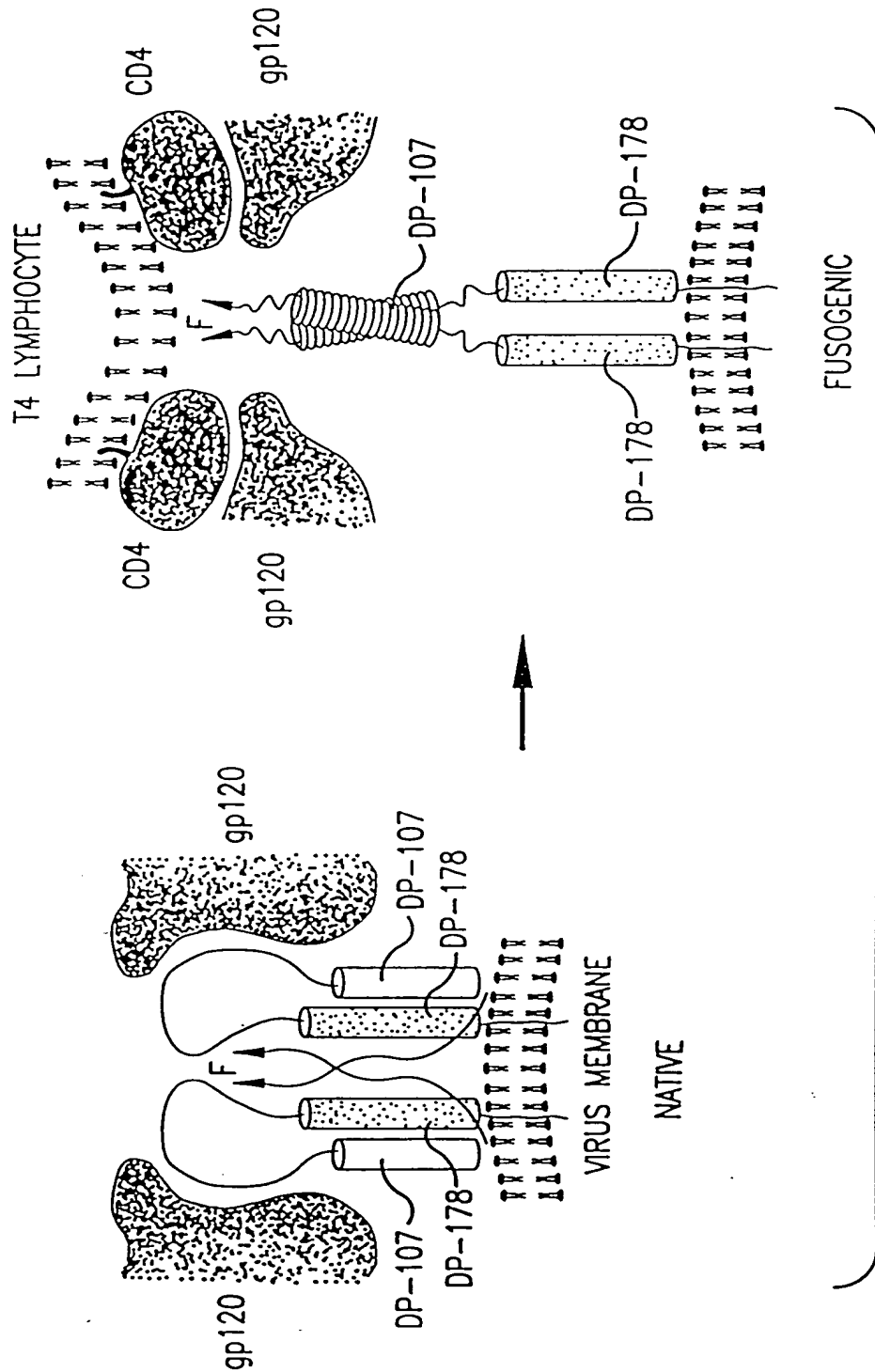


FIG.11A

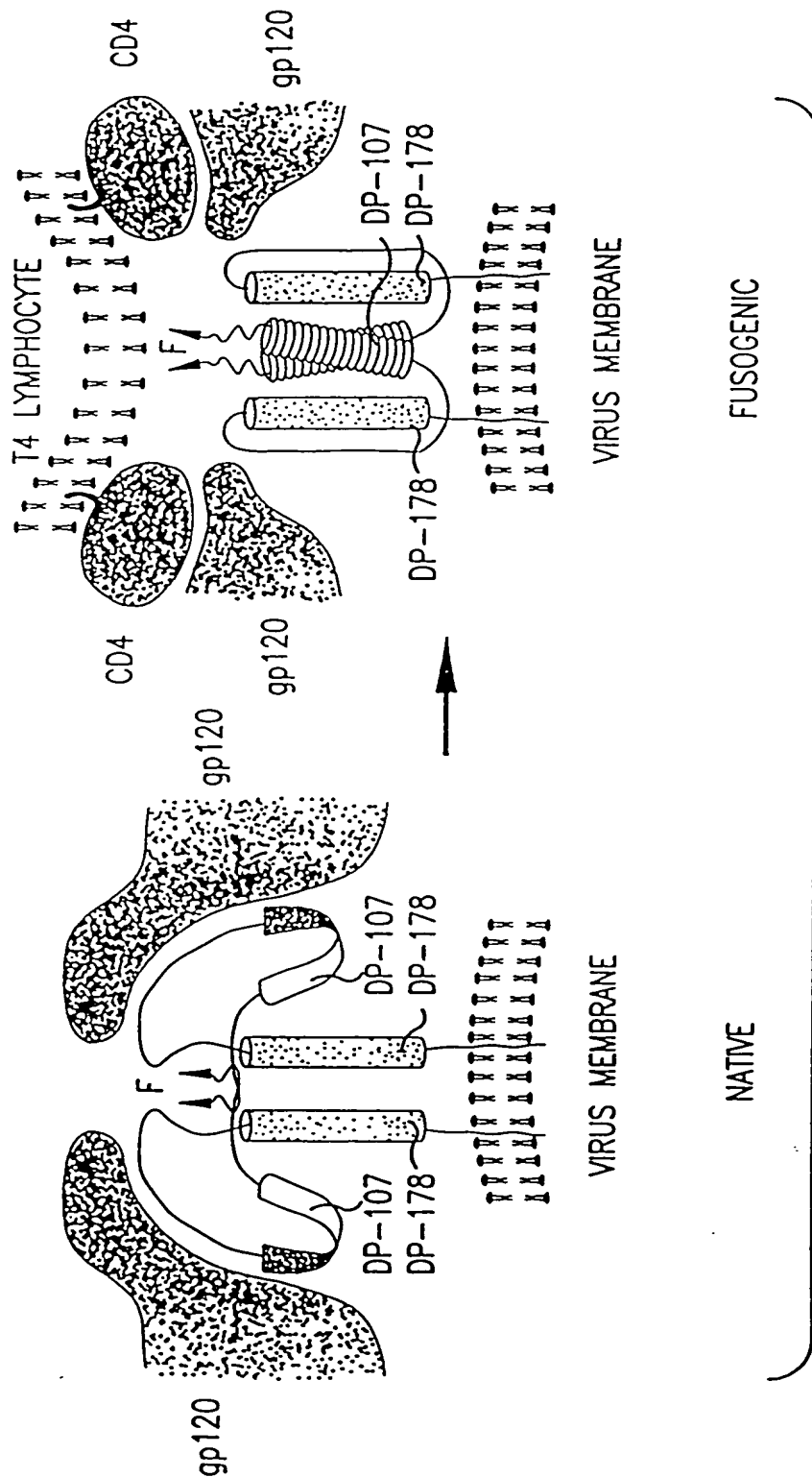


FIG. 11B

Sequence	Positions										MoLifs																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																														
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																													
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	Y	H	L	E	N	E	V	A	R	L	K	K	L																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																													

FIG.12

Sequence	Positions												Motifs
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	NNLLRA	IEAQ	QHLL	QL	TV	WG	IK	QL	QAR	I			[ILQT] {CFIMPSTY}
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	NNLLRA	IEAQ	QHLL	QL	TV	WG	IK	QL	QAR	I	L	A	[ILQTV] {CDFIMPST}
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	NNLLRA	IEAQ	QHLL	QL	TV	WG	IK	QL	QAR	I	L	A	[ILQTV] {CDFIMPST}
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	NNLLRA	IEAQ	QHLL	QL	TV	WG	IK	QL	QAR	I			[EKLNV] {CDFKMPSTY}
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	NNLLRA	IEAQ	QHLL	QL	TV	WG	IK	QL	QAR	I	L	A	[EKLNV] {CDFKMPST}
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	NNLLRA	IEAQ	QHLL	QL	TV	WG	IK	QL	QAR	I	L	A	[EKLNV] {CDFKMPST}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	YTSLI	HS	IE	ES	QN	QE	KN	QE	LE	LD	K		[EKLQY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	YTSLI	HS	IE	ES	QN	QE	KN	QE	LE	LD	K	W	[EKLQY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	YTSLI	HS	IE	ES	QN	QE	KN	QE	LE	LD	K	W	[EKLQY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D	YTSLI	HS	IE	ES	QN	QE	KN	QE	LE	LD	K		[EILNDSY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D	YTSLI	HS	IE	ES	QN	QE	KN	QE	LE	LD	K	W	[EILNDSY] {ACFGMPRVWY}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D	YTSLI	HS	IE	ES	QN	QE	KN	QE	LE	LD	K	W	[EILNDSY] {ACFGMPRVWY}

FIG.13

Sequence	Positions																								Parent Motif	Hybrid Motif												
	A	D	E	K	V	E	L	A	D	A	H	L	E	N	E	V	A	R	L	K	K	L	D	A			D											
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	Y	H	L	E	N	E	V	A	R	L	K	K	L			[LMNV] {CFGIMPSTW}							
DP-107 (env_hv1bru)L1=0	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	Q	A	R	I			[ILOI] {CFIMPSTY}	[ILMNQIV] {CFIMPST}							
DP-107 (env_hv1bru)L1=0	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	Q	A	R	I	L	A	V	E	R	Y	L	[ILOIV] {CDFIMPST}	[ILMNQIV] {CFIMPST}		
DP-107 (env_hv1bru)L1=0	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	Q	A	R	I	L	A	V	E	R	Y	L	K	D	[ILOIV] {CDFIMPST}	[ILMNQIV] {CFIMPST}
DP-107 (env_hv1bru)L2=0	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	Q	A	R	I							[EKLNQV] {CDFKMPSTY}	[EKLNQV] {CFMP}			
DP-107 (env_hv1bru)L2=0	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	Q	A	R	I	L	A	V	E	R	Y	L		[EKLNQV] {CFKMPST}	[EKLNQV] {CFMP}	
DP-107 (env_hv1bru)L2=0	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	V	W	G	I	K	Q	L	Q	A	R	I	L	A	V	E	R	Y	L	K	D	[EKLNQV] {CFKMPST}	[EKLNQV] {CFMP}

FIG. 14

Sequence	Positions												Parent Motif	Hybrid Motif		
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D				
GCN4 (gcn4 yeast)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	L	L	S	K	N	{LHNV}	{CFGIMPTWH}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	{EKLNVQVY}	{CFGMPH}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	{EKLQWY}	{CFGMPRYVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	{EFKLQWY}	{CFGMPRYVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	{EILNQSVY}	{CFGMPH}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	{EILNQSWY}	{CFGMPRYVY}
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	{EFILNQSWY}	{CFGMPRYVY}

FIG.15

FIG. 16

FIG. 16

Sequence	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D	Parent Motif	Hybrid Motif
GCN4 (gcn4 yeast)	MKQL	EDKVE	ELL	SKNYHL	ENEVARL	KKL													[LNAV] {CFGIMP}TWI	
DP-107 (env_hv1bru)L1=D	NNL	LRAIE	AQQHL	LQLT	VWGI	KQL	QAR	IL	A	VE	RYL	K	D	Q					[ILOTV] {COFIMPST}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	YTS	LIMSL	IEESQN	QDEKNE	QEL	LE	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F		[EFKLQWY] {CFGPRVY}	[EFIKLANQTVWY] {CFMP}
GCN4 (gcn4 yeast)	MKQL	EDKVE	ELL	SKNYHL	ENEVARL	KKL													[LNAV] {CFGIMP}TWI	
DP-107 (env_hv1bru)L1=D	NNL	LRAIE	AQQHL	LQLT	VWGI	KQL	QAR	IL	A	VE	RYL	K	D	Q					[ILOTV] {COFIMPST}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	YTS	LIMSL	IEESQN	QDEKNE	QEL	LE	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F		[EFILNOSH] {CFGPRVY}	[EFILNQRSTWY] {CFMP}
GCN4 (gcn4 yeast)	MKQL	EDKVE	ELL	SKNYHL	ENEVARL	KKL													[LNAV] {CFGIMP}TWI	
DP-107 (env_hv1bru)L2=D	NNL	LRAIE	AQQHL	LQLT	VWGI	KQL	QAR	IL	A	VE	RYL	K	D	Q					[EKLNV] {CFKAPS}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=A	YTS	LIMSL	IEESQN	QDEKNE	QEL	LE	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F		[EFKLQWY] {CFGPRVY}	[EFKLQWY] {CFMP}
GCN4 (gcn4 yeast)	MKQL	EDKVE	ELL	SKNYHL	ENEVARL	KKL													[LNAV] {CFGIMP}TWI	
DP-107 (env_hv1bru)L2=D	NNL	LRAIE	AQQHL	LQLT	VWGI	KQL	QAR	IL	A	VE	RYL	K	D	Q					[EKLNV] {CFKAPS}	
DP-178 (env_hv1bru)Y1=D	YTS	LIMSL	IEESQN	QDEKNE	QEL	LE	L	D	K	W	A	S	L	W	N	W	F		[EFILNOSH] {CFGPRVY}	[EFIKLANQTVWY] {CFMP}

FIG.17

Sequence	Positions										Parent Motif	Hybrid Motif					
	A	D	A	D	A	D	A	D	A	D							
GCN4 (gcn4 yeos1)	M	K	Q	L	E	D	K	V	E	E	L	L	S	K	N	[LMNV] {CFGIMPTW}	
DP-107 (env_hv1bru) L1=D	N	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	[ILOTV] {CDFIMPST}
DP-107 (env_hv1bru) L2=D	N	N	L	L	R	A	I	E	A	Q	H	L	L	Q	L	T	[EKLNV] {CFKAPS}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=A	Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	E	[EFKLQWY] {CFGMPRVY}
DP-178 (env_hv1bru) Y1=D		Y	T	S	L	I	H	S	L	I	E	E	S	Q	N	Q	[EFILNDSWY] {CFGMPRVY}
C-FOS (fos_human)	T	D	T	L	Q	A	E	T	D	Q	L	E	D	E	K	S	[IKLT] {CFGHIMPVWY}
C-JUN (top1_human)	I	A	R	L	E	E	K	V	K	T	L	K	A	Q	N	S	[AILNV] {CDFGHILPVWY}
C-MYC (myo_human)	E	Q	K	L	I	S	E	E	D	L	L	E	K	R	R	E	[ELR] {ACFGMPVWY}
FLU LOOP 36	I	E	K	T	N	E	K	F	H	Q	I	E	K	E	F	S	[FILTV] {ACFLMPTW}
																	[AEF IKLMNPSTVWY] {CFP}
																	= {CDGHP} {CFP}

[AEFIKLMNPSTVWY] {CFP}
= {CDGHP} {CFP}

FIG.18

$P-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(1)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(2)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(3)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(4)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(5)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(7)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(8)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(9)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-\{P\}(10)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-X(1,12)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$
 $P-X(13,23)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]-\{P\}(6)-[LIV]$

FIG.19

7872-020 (SHEET 21 OF 63)

Fusion ♡ALLMOTIS♡
 Peptide ♡107x178x4♡
 ♡.....ELGELG A AGSTMGARSMTLTVQARQ ♡LLSGIVQQQ DPI07-NNL

LRAIEAQOHL LOLTYYGIKO LOARILAYER YLKDO-DPI07 QLLG♡♡ IWGC

 ♡107x178x4♡
 ♡ALLMOTIS♡ *LVS Coiled-Coil*
 SGKLICT TAVP ♡WNASWS NKSLEQIWN MTWM *E ♡WDREINN DPI78-

YTSLIHSL IEESONQOEK NEOELLELDK* WASLWNT-DPI78 NI

 ♡Transmembrane Region♡
 TNWLWYIK♡ ♡IFIMIVGGLVGL RIVEAVLSIV NRVQRGYS♡ PL

 ♡P23LZIPC♡
 SFQTHLPTPR GPDR ♡PEGIEE EGGERDRDRS IRLVNGSLAL IWDDLRLSL♡ CL

♡ALLMOTIS♡ ♡107x178x4♡
 F ♡SYHRLRDLL LIVTRIVELL GRGW ♡EALKY WWNLLQYWSQ

ELKNSAVSLLNAT♡ AIAVAEG TDRVIEVVQG A♡ CRAIRHPR

RIRQGLERIL L

FIG. 20

7872-020 (SHEET 22 OF 63)

Fusion Peptide
 ♡.....ELGEL LGVGSALAS GVA ♡107x178x4 ♡YSKVLHLEGEVNIQKSA

♡P1&12LZIPC ♡
LLSTNKAYVS LSNGVSVLTS KVLDLKNIYD KQ ♡ ♡ LL ♡PIVKNQ

♡107x178x4 ♡
 SC ♡SISNIETVI ♡ EFOQKNRRLLETTREFSYNAG ♡ VTTPVSTMLTINSELLSL

♡P1&12LZIPC ♡
 ♡ALLMOTIS ♡
 INDM ♡PI ♡TNDQ KKLMSNNVQI V ♡ RQQSYSI ♡ MS IIKEEVLAYV

VQ ♡ LPLYGVID TPCWKLHTSP LCTTNTKEGS NICLTRTDRG WYCDNAGSVS

FFPQAETCKV QSNRVFCDTM NSLTLPSEIN LCNVDIFNPK

YDCKIMTSKT DVSSSVITSL GAIVSCYGKT KCTASNKNRG

IIKTFSNGCDYVSNKGMDTV SVGNTLYYVN KQEGKSLYVK G

♡P7, 12, & 23LZIPC ♡
 ♡107x178x4 ♡ ♡ALLMOTIS ♡
 EPIINFYDPLVF ♡PSDE ♡EDASISQVNEKINQSLAF ♡I ♡ RKSDELL ♡

♡Transmembrane Region ♡
HNVN ♡ GK STTN ♡IMITLITIVIVILLS LIAVGLLLY ♡ C ♡

KARSTPVTLS KDQLSGINNI AFSN

FIG. 21

7872-020 (SHEET 23 OF 63)

Fusion
 Peptide ♡ALLMOTIS♡ ♡107x178x4♡
ELGFLG ♡AAGTAMGAAA ♡TALTVQSOHLLAGILQQQKNLLAAV

♡107x178x4♡
 EAQ♡ QQM ♡LKLTIWGVKNLNARVTALEKYLEDOARLN♡ AWG♡ CA

♡LVS Coiled-Coil♡
 ♡ALLMOTIS♡ ♡107x178x4♡
 WKQVCHTTVP WQWNNRTPDW ♡NNMT ♡WLE ♡WEROISYLEGNTT

♡107x178x4♡
TOLEEARAQEEKNLD♡ AYOKLSS* WSDFWSW♡ FDF ♡SKWLN ♡ILK

♡Transmembrane Region♡
IGELDYLGIGLRLLYTY♡ YS♡ CIARVRQGYSPSPQIHHP WKGQPDNAEG

PGEGGDKRKN SSEPWQKESG TAEWKS NWCK RL TNWCSISS IWL YNS

♡ALLMOTIS♡
 ♡CLTL LVHLRSAFQY IQYGLGELKA AAQEAVVALA RLAQNAGYQIWL♡

ACRSAYRA IINSPRRVRQ GLEGILN

FIG. 22

7872-020 (SHEET 24 OF 63)

Fusion ♣107x178x4♣
 Peptide ♣ALLMOTI5♣ *LVS Coiled-Coil*
EAG ♣VVL AGVALGVATA AQITAGIALHQ ♣*SNLNAQAIO

SLRTSLEQSNKAIEEIREATOETVIA* VOGVODY♣ VNNEL♣ VP

♣ALLMOTI5♣
♣107x178x4♣
♣P6 & 12LZIPC♣
 AMQIHMSCELVGQRLGLRLLRYYTELLSIFGPSLRD ♣PISA ♣♣EISIQALIXAL

GGEIHKILEKLGYSGSD♣ MIAILES RGIKTKI♣ THVDLPGKF ILSISY

♣P1 & 12LZIPC♣
 ♣PTLSEVKGIVVHRLEAV♣ SYNIGSQEWYTTVPRIATNGYLISNFDDESSCVFVS

ESAICSQNSL YPMSPLLQQC IRGDTSSCAR TLVSGTMGNK FILSKGNIVA

NCASILCKCY STSTINQSP DKLLTFLASD TCPLVEIDGA TIQVGGRQYP

LVS Coiled-Coil
♣ALLMOTI5♣
♣P12 & 23LZIPC♣
 DMVYEGKVAL G ♣PAISLD ♣RL*DYGTNLGNALKKLDDAKVLI♣

♣Transmembrane Region♣
DSS♣ NOILETYR RS♣ SFN ♣EGSLL SVPILSCTAL ALLLLIYCC♣
 K RRYQQTLKQH TKVDPAFKPD LTGTSKSYVR SL

FIG. 23

7872-020 (SHEET 25 OF 63)

Fusion ♥ALLMOTIS♥
 Peptide ♥107x178x4♥
 ♥.....ELGAI IGSVALGVA TAAQITAASA LIQANQNAAN ♥ILRLKESITA

 TIEAVHIEVTDGLSQLAVA♥ VG KM♥ QQFVNDQFNNTAQELDCIKITQQV

 ♥ALLMOTIS♥
 GVELNLYLTELT TV FGPQITSPAL ♥TQLTIQALYNAGGNMDYLLTKLGVG

 ♥P1 & 12LZIPC♥
 NNQLSSLIGSGLIT GN♥ ♥PILYDSQT QLLGIQVTLP SVGNLNNMRATYLET

 LSVST TKGFASALVP KVV TQVGSVI EELDTSYCIE TDLDLYCTRI VTFPMSPGIY

 SCLNGNTSAC MYSKTEGALT TPYMTLKGSV IANCKMTTCR CADPPGIISQ

 ♥ALLMOTIS♥
 ♥107x178x4♥
 NYGEAVSLID RHSCN ♥♥VLSLD GITRLSGEF DATYQKNISI LDSQVIVTG ..

 LVS Coiled-Coil ♥Trans-
 NLDISTELGNV NNSISNALDK LEESNSKLDK VNVKLTSTSA ♥LIT YIA

 membrane Region ♥
 LTAJSLVCGIISLV♥♥ LACYLMY♥ KQKAQQKTLLWLGNNTLGQMRATTKM

FIG. 24

7872-020 (SHEET 26 OF 63)

Fusion ♡ALLMOTIS♡
 Peptide ♡107x178x4♡ *LVS Coiled-Coil*
FFGGV ♡IG ♡TIALG *VATSAQITAAAVALVEAKQARSDIEKLKE

AIRDTNKAVOSVOSSIGNLIVAIKSVQ* DYVNKE♡ ♡ IVPSIARLGCEAAG

 ♡ALLMOTIS♡
 ♡107x178x4♡
 LQLGIALTQH ♡ ♡YSELTNIEGDNIGSLOEKGKLOGIASLYRTNITE♡ ♡

 ♡P5 & 12LZIPC♡
 IFTTSTVDKYDIYDLLFTESIKVRVIDVDLNDYSITLQVRL ♡PLLTRLNTQIYR

VDSISYNI♡ QNREWYT♡ PLPSHIMTKGAFLGGADVKECIEAFSSYIC

PSDPGFVLNHEMESCLSGNISQCPRTVVKSDIVPRYAFVNGGVVANCITT

TCTCNGIGNRJNQPPDQGVKIITHKECNTIGINGMLFNTNKEGTLAFYTP

 ♡ALLMOTIS♡
 ♡107x178x4♡
 ♡P6 & 23LZIPC♡
 NDITLNNVALD ♡PIDI ♡SIELN ♡KAKSDLEESKEWI♡ RRSNOKL♡

 ♡Transmembrane Region♡
DSIGNWHQSSTT ♡IIIV♡ LIMIIILEIINVTII♡ IIAVKYY♡ R

IQKRNRVDQN DKPYVLTNK

FIG. 25

7872-020 (SHEET 27 OF 63)

Fusion
Peptide
.....GLEGAI AGFIENGWEGMIDGWYGFRHQNSEGTG

♠107x178x4♠

▼ALLMOTIS▼

LVS Coiled-Coil

*Q ▼AADLKST ♠QAAIDQINGKLNRYIEKTNEKTHQIEKTESEYEGRIQ

DLEKYVEDTKIDL* WSYNAELLYVALENOHTI♠ DLT▼ DSEMKNLFETR

RQLRENAEEMGNGCFKIYHKCDNACIESIRNGTYDHDVYRDEALNNRFQIKG

VELKSGYKDWILWISFAISCFLLCVVLLGFIMWACQQRGNIRCNICI

FIG. 26

RSV	Peptida #	AVG. IC50 (XTT) ug/ml
T-22	I E L S N I K E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L M Q S T	>500
T-23	I E L S N I K E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y	>500
T-24	E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L	>500
T-25	D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L M Q S T	>500
T-26	C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L	>500
T-27	S N I K E N K C N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L	>500
T-68	V S K Q Y S A L R T G W Y T S V I T I E L S N I K E N	165
T-334	A F I R K S D E L L H N Y	26
T-371	Y T S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K	>500
T-372	T S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N	NOT TESTED
T-373	8 V I T I E L S N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A	>500
T-374	8 N I K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L	>500
T-375	K E N K U N G T D A K V K L I K Q E L D K Y K N A V T E L Q L L M Q S	>500
T-575	A V S K Q Y S A L R T G W Y T S V I T I E L S N I K E N K U N G T D A	>100

[illegible]

RSV	Peptide #	AVG. IC50 (XT) ug/ml
T-12	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y I D K Q L L	>500
T-13	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-15	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-19	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-28	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-28	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-30	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	327
T-69	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	328
T-70	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	292
T-66	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	349
T-576	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>500
T-576	V V S L S N G V S V L T S K V L D L K N Y	>100

FIG. 27D

[illegible]

RSV																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

[illegible]

[illegible]

7872-020 (SHEET 37 OF 63)

7872-020 (SHEET 38 OF 63)

Fusion ♥ALLMOTI5♥
Peptide ♠107x178x4♠
.....RNKRGVFLGLGFLATAGSAMGAAS ♠♥ XXXXAQSRTLLAGIVQQQQQ

LLDVVKRQOELLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQAQL♠NAWG♥ CAF

♥ALLMOTI5♥
*LVS Predicted Coiled -Coil
RQVCHTTVPWPNASLTPDW *NND ♥TWQEWERKVDFLEENITALLEEAQIQQ

♠107x178x4♠
EKNMY ♠ELOKLNSWD* VF♥ GNXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX♠

IYIVMLAKLRQGYRPFSSPPSYFQXTHTQQDPALPTREGKEGDGGEGGGNSSWP

WQIEYIHF

FIG. 31

7872-020 (SHEET 39 OF 63)

MTRRRVLSVVVLLAALACRLGAQTPEQPAPPATTVQPTATRQQTSPFRVCELSSHGDLFRFSSD

▲107x178x4▲

IQCPSFGTRENHTEGLLMVFKDNIIPYSF ▲KVRSYTKIVTNILIYNGWYADSVTNRHE▲

EKFSVDSY ETDQMDTIYQ CYNVVKMTKD GLTRVYVDRD GVNITVNLKP TGGLANGVRR

YASQTELYDA PGWLIWTYRT RTTVNCLITD MMAKSNSPFD FFVTTTGQTV EMSPFYDGKN

KETFHERADS FHVRTNYKIV DYDNRGTPNQ GERRAFLDKG TYTLWSKLEN RTAYCPLQHW

QTFDSTIATE TGKSIHFVTD EGTSSFVTNT TVGIELPDAF KCIEEQVNKT HEKYEAVQD

RYTKGQEAIT YFITS GGILL AWLPLTPRSL ATVKNLTET TPTSSPPSSP SPPAPSAARG

STPAAVLRRR RRDAGNATTP VPPTAPGKSL GTLNNPATVQ IQFAYDSLRR QINRMLGDLA

RAWCLEQKRQ NMVLRELTKI NPTTVMSSII GKAVAAKRLG DVISVSQCVP VNQATVTLRK

SMRVPGSETM CYSRPLVSFS FINDTKTYEG QLGTDNEIFL TKKMTEVCQA TSQYYFQSGN

▲107x178x4▲

EIHVYNDYHH FKTIELDGIA TLQTFISLNT ▲SLIENIDFASLELYSRDEQRASNVFD *LE▲

LVS Predicted Coiled Coil

TM Potential

GIFREYNFQAQNIAGLRKDLDNAVS* GRNQ FVDGLGELMDSLGSVG QSITN

✧P12LZIPC✧

TM Potential

TM Potential

LVSTVGGLFSSLVSGFISF FK N ✧PFGGMLILVLVAGVVILVISL✧ TRRTRQMS

QQPVQMLYPG IDELAQQHAS GEGPGINPIS KTELQAIMLA LHEQNQEQR AAQRAAGPSV

ASRALQAARDRFPGLRRRRY HDPETAAALL GEAETEF

FIG. 32

7872-020 (SHEET 40 OF 63)

MMDPNSTSED VKFTDPYQV PFVQAFDQAT RVYQDLGGPS QAPLPCVLWP VLPEPLPQQQ

LTAYHVSTAP TGSWFSAPQP APENAYQAYA APQLFPVSDI TQNQQTNQAG GEAPQPGDNS

TVQTAAAVVF ACPGANQGQQ LADIGVPQPA PVAAPARRTR KPQQPESLEE CDSELEI

@DNA Binding@ ▲107x178x4▲ +Dimerization+
@KRY KNRVASRKCRK ▲FK@ Ω +LLOHYREVAAAKSSENDRLRLLLKQ▲

MCPSLDVD+ SI IPRTPDVLHE DLLNF

FIG. 33

7872-020 (SHEET 41 OF 63)

Fusion

Peptide

FAG

♥ALLMOTIS♥

LVS Coiled-Coil

♥VVLAGAALGVATAAQITAGIALHQSM*NSQAIDNLRASLETTN

QAIEAIRQAGQEMI*LAVQGVQDYNN♥ ELIPSMNQLSCDLIGQKLGLKLLRYYT

♣P23LZIPC♣

♣P6,12LZIPC♣

♠107x178x4♠

♥ALLMOTIS♥

EILSLFGPSLRD ♣PISA ♠♥EISIQALSYALGGDINKV♣ LEKLGYSGGDL♣

♣P1,12LZIPC♣

LGILES♠ RGIKARI♥ THVDTESYFIVLSIAY ♣PTLSEIKGVTVHRLEGV♣ SY

NIGSQEWYTTVPKYVATQGYLISNFDDESSCTFMPEGTVCSQNALYPMSPLLQECL

RGSTKSCARTLVSGSFGNRFILSQGNLIANCASILCKCYTTGTINQDPDKILTYIAA

♣P23LZIPC♣

♣P12LZIPC♣

♥ALLMOTIS♥

LVS Coiled-Coil

DHCPVVEVNGVTIQVGSRRYPDAVYLHRIDLGP ♣P ♥IS*LERLDVGTNLGN

♦Transmembrane Region♦

AIKLEDAKELL♣ ESSDOI*L♣ RSMK ♦GLSSTSIVYILI♥ AVCLGGLIGIP

ALICCC♦ RGRCNKKGEQVGMSRPGLKPDLTGTSKSYVRSL

FIG. 34

7872-020 (SHEET 42 OF 63)

Pre S1 and Pre S2

MGQNLSTSNPLGFFPDHQLDPAFRANTANPDWDFNPNKDTWPDANKVGAGAFG
LGFTPPHGGLLGWSPQAQGILQTLPANPPPASTNRQSGRQPTPLSPPLRNTHPQAM
QWNSTTFHQTLQDPRVRGLYFPAGGSSSGTVNPVLTASPLSSIFSRIQDPALN

Major Surface Antigen (HBs)

Fusion

Peptide

✧P12 & 23LZIPC✧

MENITSG FLG ✧PLL VLQAGFFLLTRILTI✧ PQSLDSWWTSLNFLGGTTVCLG

✧P12 & 23LZIPC✧

QNSQSPTSNHSPTSCPPTC ✧PGYRWMCLRRFIHFLFILLCLIFLLVLLDYQGML✧
PVCPLIPGSSTTSTGPCRTCMTTAQGTSMYPPSCCCTKPSDGNCTCIPISSWAFGKF

♦Transmembrane Region♦

LWEWASARFSWLS ♦LLVPEVQWEVGLSPTVWLSVI♦ WMMWYWGPSL

♦Transmembrane Region♦

♦YSILSPFLPLLPIFECLWVYI♦

FIG. 35

7872-020 (SHEET 43 OF 63)

Fusion ♥ALLMOTI5♥ ♠107x178x4♠
Peptide *LVS Coiled Coil
AIQLIPLFVG LGI ♥TTAVSTGAAGLGVS ♠IT *QYTKLSHQLISDV

QAISSTIQDLQDQVDSLAEVVLO* NRRGLDLLTAE♠ QGGI♥

CLALQEKCCFYANKSGIVRDKIKNLQDDLERRRRQLIDNPFWTSFHG

FLPYVMPLLGPLLCLLVLSFGPIIFNKLMTFIKHQIESIQAKPIQVHYH

Transmembrane Region

RLEQEDSGGSYLTLT.....??.....

FIG 36

7872-020 (SHEET 44 OF 63)

MKAQKGFTLI ELMIVVAIIG ILAAIAIPQ

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥YODYTARTQVTRAVSEVSALKTAAESAILEGKEIVSSA♠ T♥

PK DTQYDIGFT

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥ESTLLDGSGKSQIQVTDNODGTVELVATLGKSSGS♠ AIKGAVITVSR♥

KNDGV WNCKITKTPT AWKPNYAPAN CPKS

FIG. 37

MNTLQKGFTL IELMIVIAIV GILAAVALPA YQDYTARAQV

SEAILLAEGQ KSAVTEYYLN HGIWP

♠107x178x4♠

♥ALLMOTIS♥

♠♥KDNTSAGVASSSSIKGKYVKEVKVENGVVTAT♠

MNSSNVNKEIQGKKLSLWAKRQDGSVKW♥

FCGQP VTRNAKDDTV TADATGNDGK IDTKHLPSTC RDNFDAS

FIG. 38

7872-020 (SHEET 46 OF 63)

MKKTLLGSLI LLAFAGNVQA DINTETSGKV TFFGKVVENT

CKVKTEHKNL SVVLNDVGKN SLSTKVNTAM PTPFTITLQN

CDPTTANGTA NKANKVGLYF Y

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥SWKNVDKENNETLKNEQTTADYATNVNI♠

QLMESNGTKAISVVGKETE♥

DF MHTNNGVAL NQTHPNNAHI SGSTQLTTGT NELPLHFIAQ

YYATNKATAG KVQSSVDFQI AYE

FIG. 39

MNKKLLMNFF IVSPLLLATT ATDFTPVP

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♠♥LSSNQIIKTAKASTNDNIKDLLDWYSSGSDTFTNS♠♥

EVLDNSL GSMRIKNTDG SISLIIFPSP YYSFAFTKGE KV

♠107x178x4♠

♠DLNTRTKKSQHTSEGTYIHFQISGVT♠

N TEKLPTPIEL PLKVKVHGKD SPLKYG

♣P12LZIPC♣

♣PKFDKKQLAISTLDFEIRHQLTQI♣

HGLYRSSDKT GGYWKITMND GSTYQSDLSK KFEYNTEKPP

INIDEIKTIE AEIN

FIG. 40

7872-020 (SHEET 48 OF 63)

♥ALLMOTI5♥
MKKTAFILL FIALTLTTSP L ♥VNG

♠107x178x4♠
LVS Predicted Coiled-Coil
S ♠EKSEEINEKDLRKKSELQNALSNLROIY YYNEKAITENKESDD♠

QFLENTLL♥FKG FFTGHPW

♠107x178x4♠
♠YNDLLVDLGSKDATNKYKGKKVDLYGAY♠

YGYQCAGGTPNKTACMYGGVTLHDN NRLTEKKVP INLWIDGKQTTV

♣P12LZIPC♣
♣PIDKVKTSKKEVTQELDL♣ QARHYLHGK FGLYNSDSFGGKVQ

♣P12LZIPC♣
RGLIVF HSSEGSTVSY DLFDAQQGY ♣P DTLRIYRDN KTINSENLHI♣

DLYLYTT

FIG. 41

7872-020 (SHEET 49 OF 63)

MKKTAFTLLL FLALTLTTSP L ♡ALLMOTI5♡
♡VNGS

♠107x178x4♠

♠EKSEEINEKDLRKKSELOGTALGNLKOIYYNEKAKTENKESHDA ♠ Q♡

FLQHTILFKG FFDHHSWYND LLVDFDSKDI VDKYKGKKVDLYGAYY

GYQC AGGTPNKTAC MYGGVTLHDN NRLTEKKVPINLWLDGKQNTV

♠107x178x4♠

♡ALLMOTI5♡

♣P12LZIPC♣

♣P ♡L ♠ETVKTNNKNVTVOELDLQARRYL♣ QEKYNLYN♠

SDVFDGKVQR♡ GLIVF HTSTE

♣P23LZIPC♣

♣PSVNYDLFGAQQQYSNTLLRIYRDNKTINSENMI♣ DIYLYTS

FIG. 42

7872-020 (SHEET 50 OF 63)

MKNITFIFFILLASPLYANGDRLYRADSRPPDEIKRFRSLMPRGNEYFDRGT

♥ALLMOTI5♥

♥QMNINLYDHARGTQTGFVRYDDGYV

♠107x178x4♠

♠STSLSLRSAHLAGQYILSGYSLTIYIVI♠ ANMFNVNDVISVY♥

SP HPYEQEVSA L GGIPYSQIYG WYRVNFGVID ERLHRNREYR

DRYYRNLNIA PAEDGYRLAG FPPDHQAWRE EPWIHHAPQG

CGDSSRTITG DTCNE

♥ALLMOTI5♥

♥ETQNLSTIYLREYQSKVKRQIFSDYQSEVDIYNRIRDEL♥

FIG. 43

7872-020 (SHEET 51 OF 63)

MMFSGFNADY EASSSRCSSA SPAGDSLSYY HSPADSFSSM

GSPVNAQDFC TDLAVSSANF IPTVTAISTS PDLQWLQPA

LVSSVAPSQT RAPHFPGVPA PSAGAYSRAG VVKMTGGRA

QSIGRRGKVE QLSPEEEKR RIRRE *LVS Predicted Coiled-Coil*
*RNKMA AAK

♠107x178x4♠

♥ALLMOTIS♥

♥CRNRRREL ♠TDTLQAETDQLEDEKSALQTEIANLLKEKEKL♥

EFILAAH R* PACKIPDDL GFPEEMSVAS LDLTGGLPEV

ATPESEEAFT LPLLNDPEPK PSVEPVKSIS SMELKTEPFD

DFLFPASSRP SGSETARSVP DMDLSGSFYA LPLLNDPEPK

PSVEPVKSIS SMELKTEPFD DFLFPASSRP SGSETARSVP

DMDLSGSFYA GSSSNEPSSD SLSSPTLLAL

FIG. 44

7872-020 (SHEET 52 OF 63)

SGWESYYKTEGDEEAEEEEQEENLEASGDYKYSGRDSLIFLVDASKA
MFESQSEDELTPFDMSIQCIQSVYISKIISDRDLLAVVFYGTEDKNS
VNFKNYVLQELDNPGAKRILELDQFKGQQGQKRFQDMMGHGSDY
SLSEVLWVCANLFSQVQFKMSHKRIMLFTNEDNPHGNDSAKASRAR
TKAGDLRDTGIFLDLMHLKKPGGFDISLFYRDIISIAEDED

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

LVS Predicted Coiled-Coil

♥LRVH *FEE ♠SSKLEDLLRKVRACKETRKRALSRLKLKLKNKDIV* ISV

GIYNLVQKAL♥ KPPPIKLYRETN♠ EPVKTKTRTFNTSTGGLLLPSDTKR

SQIYGSRQIILEKEETEELKRFDDPGLMLMGFKPLVLLKKHHLRPSLFVYPE
ESLVIGSSTLFSALLIKCLEKEVAALCRYTPRRNIPPYFVALVPQEEELDDQK
IQVTTPPGFQLVFLPFADDDKRKMPFTEKIMATPEQVGKMKAIVEKLRFTYRS
DSFENPVLQQHFRNLEALALDLME

♣P12LZIPC♣

♣PEQAVDLTLPKVEAMNKRL♣ GSLVDEFKELVYPPDYNPEGKVTKR

KHDNEGSGSKRPKVEYSEEELKTHISKGTLGKFTVPMLEACRAYGLKSG
LKKQELLEALTKHFQD

FIG. 45

GGGALSPQHSAVTQGSIIKNKEGMDAKS

♠107x178x4♠

♥ALLMOTI5♥

♥♠LTAWSRTLVTFKDVFVDFETREEWKLLDT♠ AQQIVYRNV

MLENYKNLVSLGYQLT♥ KPDVILRLEKGEEPWLVEREIHQETHPD
SETAFEIKSSVSSRSIFKDKQSCDIKMEGMARNDLWYLSLEEVWKCR
DQLDKYQENPERHLRHQLIHTGEKPYECKEKGKSFSRSSHLIGHQKT
HTGEEPYECKEKGKSFSWFSHLVTHQRTHTGDKLYTCNQCGKSFVH
SSRLIRHQRTHTGHKPYECPECKGKSFRQSTHLILHQRTHVVRVPYECN
ECGKSYSQRSHLVVHHRIHTGLKPFECKDCGKCFSSRSHLYSHQRT
TGEKPYECHDCGKSFSQSSALIVHQRIHTGEKPYECCQCGKAFIRKN
DLIKHQRIHVGAETYKCNQCGIIFSQNS

♣P23LZIPC♣

♣PFIVHQIAHTGEQFLTCNQCGTALVNTSNLIGYQTNHI♣ RENAY

FIG. 46

Residue #	P	D	A	V	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I	L	R	S	M	#	-485																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
Measles Ed. 78-like walk																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																
T-262A0	P	O	A	V	Y	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	D																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
T-235A0	O	A	V	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																														
T-234A0	A	V	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																															
T-235A0	V	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																
T-236A0	Y	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																
T-237B1,C1	L	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																	
T-238B1	H	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																		
T-239B1	R	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	A																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
T-260B1	I	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-261A0	D	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
T-262B1	L	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-263B1	G	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-264B1	P	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-265B1	P	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I	L																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-266A0	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I	L	R																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-267A0	I	S	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I	L	R	S																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
T-268A0	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I	L	R	S	M																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
T-268A0	L	E	R	L	D	V	G	T	N	L	G	N	A	I	A	K	E	L	E	S	S	D	Q	I	L	R	S	M	K																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			

[illegible]

[illegible]

HIV-1 Bru 178 Constructs, Mutations, Truncations																			
Truncation	PL	Removed	Added	AA	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
T1	X																		
T2	X																		
T3	X																		
T4	X																		
T5	X																		
T6	X																		
T7	X																		
T8	X																		
T9	X																		
T10	X																		
T11	X																		
T12	X																		
T13	X																		
T14	X																		
T15	X																		
T16	X																		
T17	X																		
T18	X																		
T19	X																		
T20	X																		
T21	X																		
T22	X																		
T23	X																		
T24	X																		
T25	X																		
T26	X																		
T27	X																		
T28	X																		
T29	X																		
T30	X																		
T31	X																		
T32	X																		
T33	X																		
T34	X																		
T35	X																		
T36	X																		
T37	X																		
T38	X																		
T39	X																		
T40	X																		
T41	X																		
T42	X																		
T43	X																		
T44	X																		
T45	X																		
T46	X																		
T47	X																		
T48	X																		
T49	X																		
T50	X																		
T51	X																		
T52	X																		
T53	X																		
T54	X																		
T55	X																		
T56	X																		
T57	X																		
T58	X																		
T59	X																		
T60	X																		
T61	X																		
T62	X																		
T63	X																		
T64	X																		
T65	X																		
T66	X																		
T67	X																		
T68	X																		
T69	X																		
T70	X																		
T71	X																		
T72	X																		
T73	X																		
T74	X																		
T75	X																		
T76	X																		
T77	X																		
T78	X																		
T79	X																		
T80	X																		
T81	X																		
T82	X																		
T83	X																		
T84	X																		
T85	X																		
T86	X																		
T87	X																		
T88	X																		
T89	X																		
T90	X																		
T91	X																		
T92	X																		
T93	X																		
T94	X																		
T95	X																		
T96	X																		
T97	X																		
T98	X																		
T99	X																		
T100	X																		
T101	X																		
T102	X																		
T103	X																		
T104	X																		
T105	X																		
T106	X																		
T107	X																		
T108	X																		
T109	X																		
T110	X																		
T111	X																		
T112	X																		
T113	X																		
T114	X																		
T115	X																		
T116	X																		
T117	X																		
T118	X																		
T119	X																		
T120	X																		
T121	X																		
T122	X																		
T123	X																		
T124	X																		
T125	X																		
T126	X																		
T127	X																		

Fig. 49B

HIV-1 Bru 178 Constructs, Mutations																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
-------------------------------------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

HIV-1 BRU DP-107 peptides																						MW (kDa)			
																						CD3 ligand			
Addition	110 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	111	90
	137 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	111	90
	148 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	148	127
	158 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	158	127
Unlabeled	178 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	178	127
	183 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	183	127
	193 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	193	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
Subst	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
Unlabeled	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
Unlabeled	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127
	211 2kmer	W	T	L	T	V	A	A	G	L	L	L	V	G	G	G	R	L	L	A	L	A	G	211	127

F-16, 51A

Fig. 51B

7872-020 (SHEET 62 OF 63)

Domain I:

174P-L-L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S-Q-S-P220

P-L-L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T
 L-L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T
 L-V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V
 V-L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C
 L-Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L
 Q-A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G
 A-G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q
 G-F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N
 F-F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S
 F-L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S-Q
 L-L-T-R-I-L-T-I-P-Q-S-L-D-S-W-W-T-S-L-N-F-L-G-G-T-T-V-C-L-G-Q-N-S-Q-S

I=I6, 52A

Domain II:

223P-G-Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-G-P-C-R-T-C-M-T-T291

P-Q-Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L
G-Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P
Y-R-W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V
R-W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C
W-M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P
M-C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L
C-L-R-R-F-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I
L-R-R-P-I-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P
R-R-P-I-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q
R-P-I-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S
P-I-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S
I-I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T
I-F-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S
P-L-F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S-S-T-S-T
L-P-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q
F-I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P
I-L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S-S-T-S-T-Q-P-C
L-L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R
L-L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-G-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T
L-C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C
C-L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C-M
L-I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C-M-T
I-F-L-L-L-V-L-L-D-Y-Q-G-M-L-P-V-C-P-L-I-P-Q-S-S-T-S-T-Q-P-C-R-T-C-M-T-T

F-26. 52 B